

Figure 1A

IgG1 library

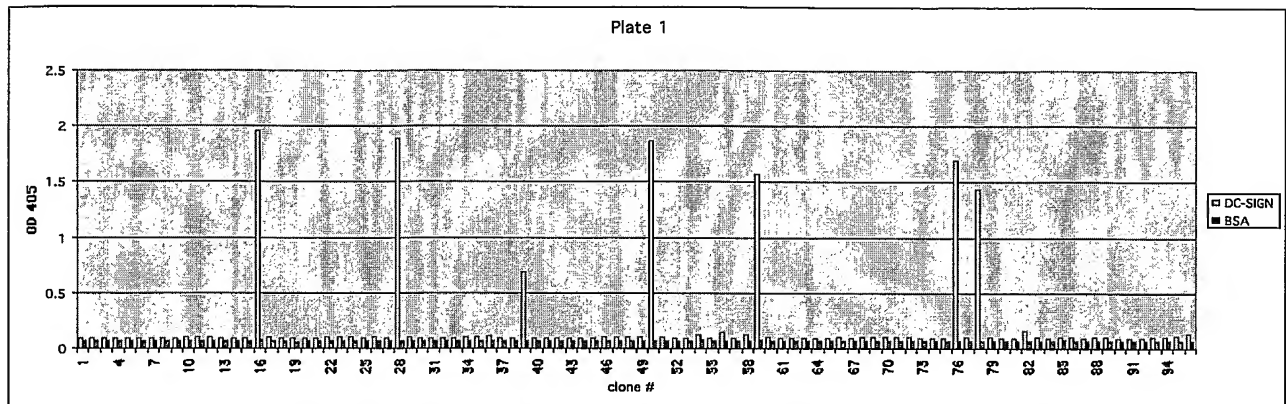


Figure 1B

IgG2a library

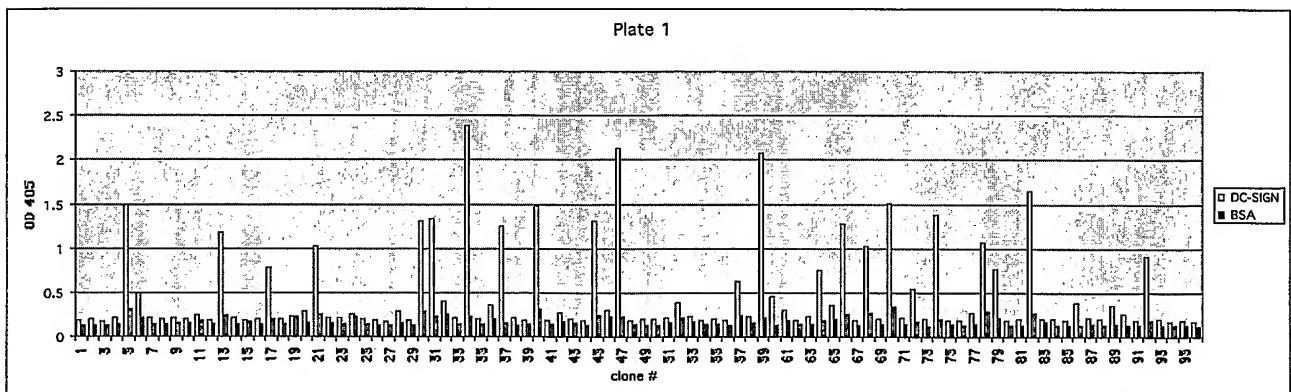


Figure 2

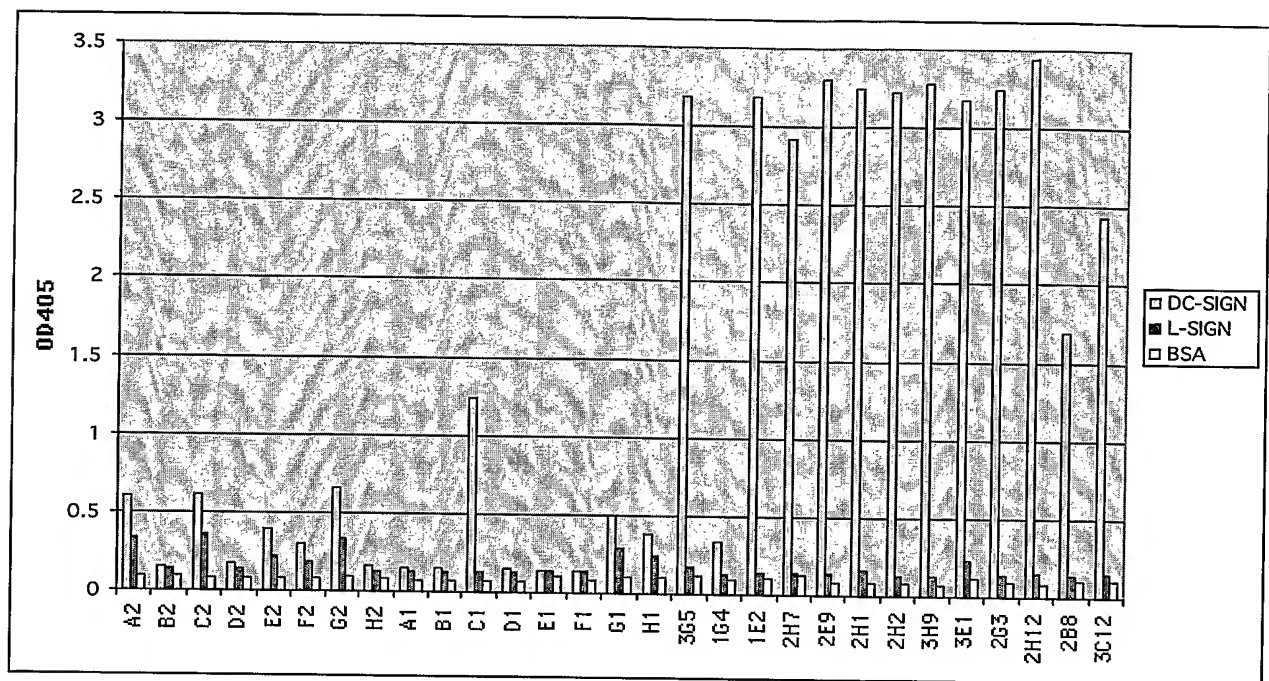
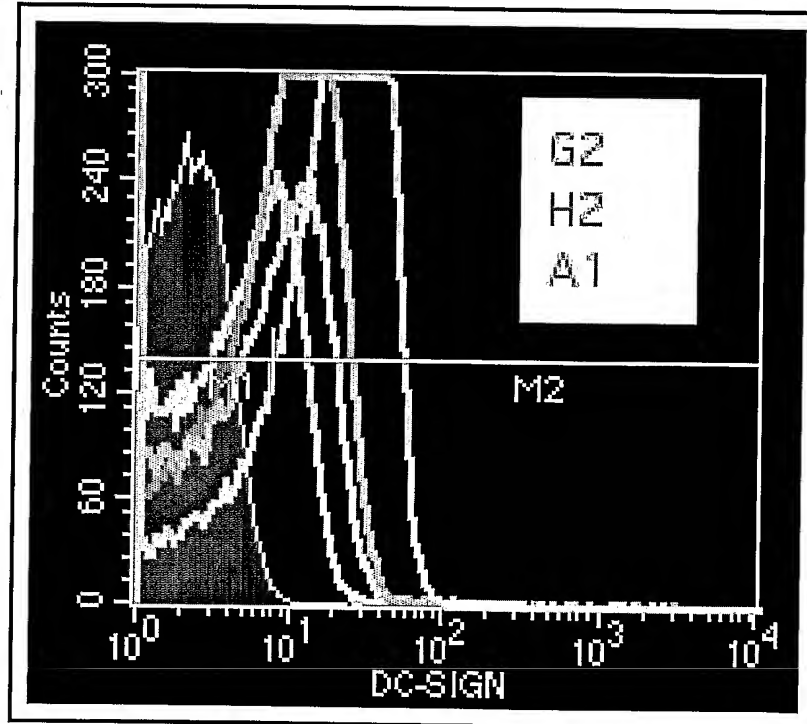


Figure 3



A1= clone 1
H2=clone 15
G2=clone 16

Figure 4a

Light chain sequences

		D I Q M T Q T T S S L S A S L G D R V T I T C R A S Q D I N N Y L N W Y Q Q K P																																									
Majority		-----+-----+-----+-----+-----																																									
		10										20										30										40											
		-----+-----+-----+-----+-----																																									
1		D	I	Q	M	T	Q	S	P	A	S	L	S	A	S	V	G	E	T	I	T	I	T	C	R	A	S	E	N	I	H	N	Y	L	A	W	Y	Q	Q	N	Q	1G4LC	
1		D	I	Q	M	T	Q	T	T	S	S	L	S	A	S	L	G	D	R	V	T	I	T	C	R	T	S	Q	D	I	D	N	Y	L	N	W	Y	Q	Q	K	P	2B8LC	
1		D	I	P	M	T	Q	T	T	S	S	Q	S	A	S	L	G	D	R	V	T	I	T	C	R	A	S	Q	D	I	N	N	Y	L	N	W	Y	Q	Q	K	P	2H1LC	
1		D	I	Q	M	T	Q	T	T	S	S	L	S	A	S	L	G	D	R	V	T	I	S	C	R	A	S	H	D	I	N	D	Y	L	N	W	Y	Q	Q	K	P	2H2LC	
1		D	I	Q	M	T	Q	T	T	S	S	L	S	A	S	L	G	D	R	V	T	I	T	C	R	A	S	Q	D	I	S	N	Y	L	N	W	Y	Q	Q	K	P	3C12LC	
1		D	I	Q	M	T	Q	T	T	S	S	Q	S	A	S	L	G	D	R	V	T	I	T	C	R	A	S	Q	D	I	N	N	Y	L	N	W	Y	Q	Q	K	P	3E1LC	
1		D	I	Q	M	T	Q	T	T	S	S	L	F	A	S	L	G	D	R	V	T	I	S	C	R	A	S	Q	D	I	R	N	N	L	N	W	Y	Q	Q	K	P	3E7LC	
1		D	I	Q	M	T	Q	T	T	S	S	L	S	A	S	L	G	D	R	V	T	I	S	C	R	A	S	H	D	I	N	D	Y	L	N	W	Y	Q	Q	K	P	3H9LC	
		D G T V K L L I Y Y T S R L H S G V P S R F S G S G S G T D Y S L T I S N L A Q																																									
Majority		-----+-----+-----+-----+-----																																									
		50										60										70										80											
		-----+-----+-----+-----+-----																																									
41		G	K	S	P	Q	L	L	V	Y	N	A	K	T	L	A	V	G	V	P	S	R	F	S	G	S	G	S	G	T	Q	F	S	L	K	I	V	S	L	Q	P	1G4LC	
41		D	G	T	V	K	L	L	I	Y	Y	T	S	R	L	H	S	G	V	P	S	R	F	S	G	S	G	S	G	T	D	Y	S	L	T	I	N	N	L	A	Q	2B8LC	
41		D	G	T	V	K	L	L	I	Y	Y	T	S	R	L	H	S	G	V	P	S	R	F	S	G	S	G	S	G	T	D	Y	S	L	T	I	S	N	L	E	Q	2H1LC	
41		D	G	T	V	K	L	L	I	Y	Y	T	S	S	L	Q	S	G	V	P	S	R	F	R	G	Y	G	S	G	T	D	Y	S	L	T	I	S	N	L	A	Q	2H2LC	
41		D	G	T	V	K	L	L	I	Y	Y	T	S	R	L	H	S	G	V	P	S	R	F	S	G	S	G	S	G	T	D	Y	S	L	T	I	S	N	L	A	Q	3C12LC	
41		D	G	T	V	K	L	L	I	Y	Y	T	S	R	L	H	S	G	V	P	S	R	F	S	G	S	G	S	G	T	D	Y	S	L	T	I	S	N	L	E	Q	3E1LC	
41		D	G	T	V	K	L	L	I	Y	Y	T	S	S	L	P	S	G	V	P	S	R	F	S	G	S	R	S	G	T	D	Y	S	L	T	I	S	N	L	E	Q	3E7LC	
41		D	G	T	V	K	L	L	I	Y	Y	T	S	S	L	Q	S	G	V	P	S	R	F	R	G	Y	G	S	G	T	D	Y	S	L	T	I	S	N	L	A	Q	3H9LC	
		E D I A T Y F C Q Q G D T L P W T F G G G T K L E I K R A (SEQ ID NO: 9)																																									
Majority		-----+-----+-----+-----+-----																																									
		90										100																															
		-----+-----+-----+-----+-----																																									
81		E	D	F	G	N	Y	Y	C	Q	H	F	W	N	T	P	W	T	F	G	R	G	T	K	L	E	I	K	R	A	(SEQ ID NO: 10)		1G4LC										
81		E	D	I	A	T	Y	F	C	Q	Q	G	D	T	L	P	F	T	F	G	S	G	T	T	L	E	I	K	R	A	(SEQ ID NO: 11)		2B8LC										
81		E	D	L	V	T	Y	F	C	Q	Q	G	K	T	L	P	W	T	F	G	G	G	T	K	L	E	I	K	R	A	(SEQ ID NO: 12)		2H1LC										
81		E	D	F	A	T	Y	F	C	Q	Q	G	H	T	L	P	Y	T	F	G	G	G	T	K	L	E	I	K	R	A	(SEQ ID NO: 13)		2H2LC										
81		E	D	I	A	T	Y	F	C	Q	Q	G	D	K	L	P	F	T	F	G	S	G	T	T	L	E	I	K	R	A	(SEQ ID NO: 14)		3C12LC										
81		E	D	L	A	T	Y	F	C	Q	Q	G	K	T	L	P	W	T	F	G	G	G	T	K	L	E	I	K	R	A	(SEQ ID NO: 15)		3E1LC										
81		E	D	I	A	T	Y	F	C	Q	Q	G	D	T	L	P	P	T	F	G	G	G	T	K	L	E	I	K	R	A	(SEQ ID NO: 16)		3E7LC										
81		E	D	F	A	T	Y	F	C	Q	Q	G	H	T	L	P	Y	T	F	G	G	G	T	K	L	E	I	K	R	A	(SEQ ID NO: 17)		3H9LC										

Figure 4 b

Heavy chain sequences

```

E V Q L Q Q S G P E L V K P G A S V K I S C K A S G Y S F T - G Y Y M H W V K Q Majority
-----+-----+-----+-----+
              10              20              30              40
-----+-----+-----+-----+
E V Q L Q Q S G P G L V K P S Q S L S L A C S V T G Y S I T S G Y Y W N W I R Q 1G4HC
E V Q L Q Q S G P E L V K P G A S V K I S C K A S G Y S F T - G Y Y M H W V K Q 1H2HC
E V Q L Q Q S G P E L V K P G A S V K I S C K A S G Y S F T - G Y Y M H W V K Q 2B8HC
E V Q L Q Q S G P E L V K P G T S V K I S C K A S G Y S F T - G Y Y I H W V R Q 2H1HC
E V Q L Q Q S G P E L V K P G T S V K I S C K A S G Y S F T - G Y Y I H W V R Q 2H2HC
E V Q L Q Q S G P E L V K P G A S V K I S C K A S G Y S F T - G Y Y M H W V K Q 3C12HC
E V Q L Q Q S G P E L V K P G A S V K I S C K A S G Y S F T - G Y Y M H W V K Q 3E1HC
E V Q L Q Q S G A E L V R P G A L V K L S C K A S G F N I K - D Y Y I H W V K Q 3E7HC

S H V K S L E W I G R I N P Y N G A T S Y N Q N F K D K A S L T V D K S S T T V Majority
-----+-----+-----+-----+
              50              60              70              80
-----+-----+-----+-----+
S P G N K L E W M G Y I S Y D - G N S D Y N P S F K N R I S I T R D T S K N Q F 1G4HC
S H V K S L E W I G R I N P Y N G A T S Y N Q N F K D K A S L T V D K S S T T V 1H2HC
S H V K S L E W I G R I N P Y N G A T Y Y N H N F K D K A T L T V H K S S T T V 2B8HC
R H V K S L E W I G R I N P Y S G A T S Y N Q S F K D K A S L T V D K S S T T A 2H1HC
R H V K S L E W I G R I N P Y S G A T S Y N Q S F K D K A S L T V D K S S T T A 2H2HC
S H V K S L E W I G R I N P Y N G A T S Y N Q N F K D K A S L T V D K S S T T V 3C12HC
S H V K S L E W I G R I N P Y N G A P S Y N Q N F K D K A S L T V D E S S T T V 3E1HC
R P E Q G L E W I G W I D P E N G N T I Y D P K F Q G K A S I T A D T S S N T A 3E7HC

Y M E V H S L T S E D S A V Y Y C V R S N D G Y Y S Y P M D Y W G Q G T S V T V Majority
-----+-----+-----+-----+
              90              100              110              120
-----+-----+-----+-----+
F L R L N S L T T E D T A T Y Y C V R D D S G R - - F P Q W G Q G T L V T V S A 1G4HC (SEQ
ID NO: 18)
Y M E V H S L T S E D S A V Y Y C V R S N D G Y Y S Y P M D Y W G Q G S S V A V 1H2HC
Y M E V H S L T S E D S A V Y Y C V R S N D G Y Y S Y P M D Y W G Q G T S V T V 2B8HC
Y M E V H S L T S E D S A V Y Y C V R S N D G Y Y S Y P M D Y W G Q G T S V T V 2H1HC
Y M E V H S L T S E D S A V Y Y C V R S N D G Y Y S Y P M D Y W G Q G T S V T V 2H2HC
Y M E V H S L T S E D S A V Y Y C V R S N D G Y Y S Y P M D Y W G Q G T S V T V 3C12HC
Y M E V H S L T S E D S A V Y Y C V R S N D G Y Y S Y P M D Y W G Q G T S V T V 3E1HC
Y L Q L S S L T S E D T A V Y Y C A R Y Y L G - - - - V D Y W G Q G T S V T V 3E7HC

S S      (SEQ ID NO: 19) Majority
-----
-----

S S      (SEQ ID NO: 20) 1H2HC
S S      (SEQ ID NO: 21) 2B8HC
S S      (SEQ ID NO: 22) 2H1HC
S S      (SEQ ID NO: 23) 2H2HC
S S      (SEQ ID NO: 24) 3C12HC
S S      (SEQ ID NO: 25) 3E1HC
S S      (SEQ ID NO: 26) 3E7HC

```

Figure 4c

IgG2a library
Heavy Chains

	CDR1	CDR2	CDR3				
EVQLQQSGPDLVKGASVRLSCKTSGETFA	NYIIH	WVKQRPQGLEWIG	WIFPGNFKTEYNEKFKG	KATLTADKSSSTAYMQLSSLTSEDSAVYFCARG YGYAVDY	WGQGTSTVTSSAKTT 1		
(SEQ ID NO: 27)							
EVQLQQSGAELVKGASVKLSCTASGFNIK	DTYMH	WVKQRPQGLEWIG	RIDPANGNTKYDKPKFQG	KATITADTSSNTAYLQLSSLTSEDTAVYYCARD	YGIYVDY	WGQGTTLITVSSAK 2	
(SEQ ID NO: 28)							
EVQLQQSGAELARPGASVKLSCKASGYTFR	SYMMQ	WVKQRPQGLEWIG	AIYPGDGDTRYTQKFKG	KATITADKSSSTAYMQLSSLASEDSAVYFCARG	GLKSFYAMDHWGQGTSTVTSSAK 3		
(SEQ ID NO: 29)							
EVQLQQSGPDLVKGASVRLSCKTSGETFA	SYIIH	WVKQRPQGLEWIG	WIFPGNFKTEYNEKFKG	KATLTADRSSSTAYMQLSSLTSEDSAVYFCARG	YGYAVDY	WGQGTSTVTSSAKT 4	
(SEQ ID NO: 30)							
EVQLQQSGPDLVKGASVRLSCKASGETFA	SYIIH	WVKQRPQGLEWIG	WIFPGNNNTKSNEKFKG	KATLTADKSSSTAYMQLSSLTSEDSAVYFCARG	YGYAVDY	WGQGTSTVTVS 5	
(SEQ ID NO: 31)							
EVQLQQSGPDLVKGASVRLSCKASGETFA	SYIIH	WVKQRPQGLEWIG	WIFPGNNMTKSNEKFKG	KATLTADKSSSTAYMQLSSLTSEDSAVYFCARG	YGYAVDY	WGQGTSTVTSSAKT 7	
(SEQ ID NO: 32)							
EVQLQQSGAELVKGASVKLSCTASDENIK	DTYIQ	WVKQRPQGLEWVG	RIDPANGETIKYDKPKFQG	KATITADTSSNTAYLQLSSLTSEDTAVYYCTAY	FLVY	WGQGTTLITVSSAKTT 8	
(SEQ ID NO: 33)							
EVQLKESGPGLVAPQSLSITCTVSGFSL	RYTVH	WIRQPPKGLEWIG	MIWGGGTTDYNALKS	RLSISKDNSESQVFLKMSLQTDDTAKYYCARI	NFGILGY	WGQGTTLITVSSAKTT	
11(SEQ ID NO: 34)							
EVQLQQSGTELVRPGALVKLSCKASGFNIK	DYFMH	WVKQRPQGLEWIG	WIDPKNGNTIYDKPKFQV	KASITADTSSNTAYLQLSSLTSEDTAVYYCTTT	YPNALDY	WGQGTSTVTSSAKTT	
15(SEQ ID NO: 35)							
Light chains							
DIAMTQSHKFMSTPVGDRVSITC	KASQDVSTA	VA	WYQQKPGQSPKLLIY	SASVRYT	GVPDRFTGSGSGCTDFTTISVQAEDLAVYYC	QQHYITPLT	FGAGTKLEIKR 1(SEQ ID
NO: 36)							
DVMTQTPTLTSVITIGQPASISC	KSSQSLDSDGKTYLN	WLLWRPGQSPKRLIY	LVSKLDS	GVPDRFTGSGSGCTDFTLKISRVEAEDLGVYFC	WQDTHFPHV	HVRCWDQAGTT	2(SEQ ID
NO: 37)							
SVLTQSPKSMMSVGERVTISC	KASENVGTY	VS	WYQQKPDQSPKLLIY	GSSNRST	GVPDRFTGSGSATDFTLTISVQAEDLADYHC	GQSYNYPPPT	FGGKTKLEIKR 3(SEQ ID
NO: 38)							
DIVLTQSHKFMSTSVGDRVSITC	KASQDVSTA	VA	WYQQKPGQSPKLLIY	WASTRHT	GVPDRFTGSGSGCTDYTLTISVQAEDLALYYC	QQYVSTPRT	FGGKTKLEIKR 4(SEQ ID
NO: 39)							
RYQMTQTSSLASLGDRVTISC	SASQDITNYLN		WYQQKPDGTVKLLLY	YTSRLHS	GVPSRFSGSGSGCTDYSLTISNLEPEDVATYYC	QQYGNLPHYT	FGGKTKLEIKR 5(SEQ ID
NO: 40)							
DIQCTQTSSLASLGDRVTISC	RASQDISNYLN		WYQQKPDGTVKLLLY	YTSRLHS	GVPSRFSGSGSGCTDYSLTISNLEQADIAITYFC	QQGKTLPT	FGGKTKLEIKR 7(SEQ ID
NO: 41)							
RHQTQSHKFMSTSVGDRVSITC	KASQDVSTAVA		WYQQNPGQSLKLLIY	WASTRHT	GVPDRFTGSGSGCTDYTLTINSVQAEDLTYLYC	QQHYITPLT	FGAGTKLEIKR 8(SEQ ID
NO: 42)							
RYPAQTSSLASLGDRVTISC	RASQDISNYLN		WYQQKPDGTVKLLLY	YTSRLHS	GVPSRFSGSGSGCTDYSLTISNLEQEDIAITYFC	QQGNTLPPT	FGGKTKLEIKR 11(SEQ ID
NO: 43)							
DIVQTQSPASLAVSLGQRATISC	KASQSDVDGDSYMN		WYQQKPGQPPKLLIY	AASNLHS	GVPSRFSGSGSGCTDYSLTISNLEQADIAITYFC	QQGKTLPT	FGGKTKLEIKR 15(SEQ ID
NO: 44)							

Figure 5A

IgG1 library

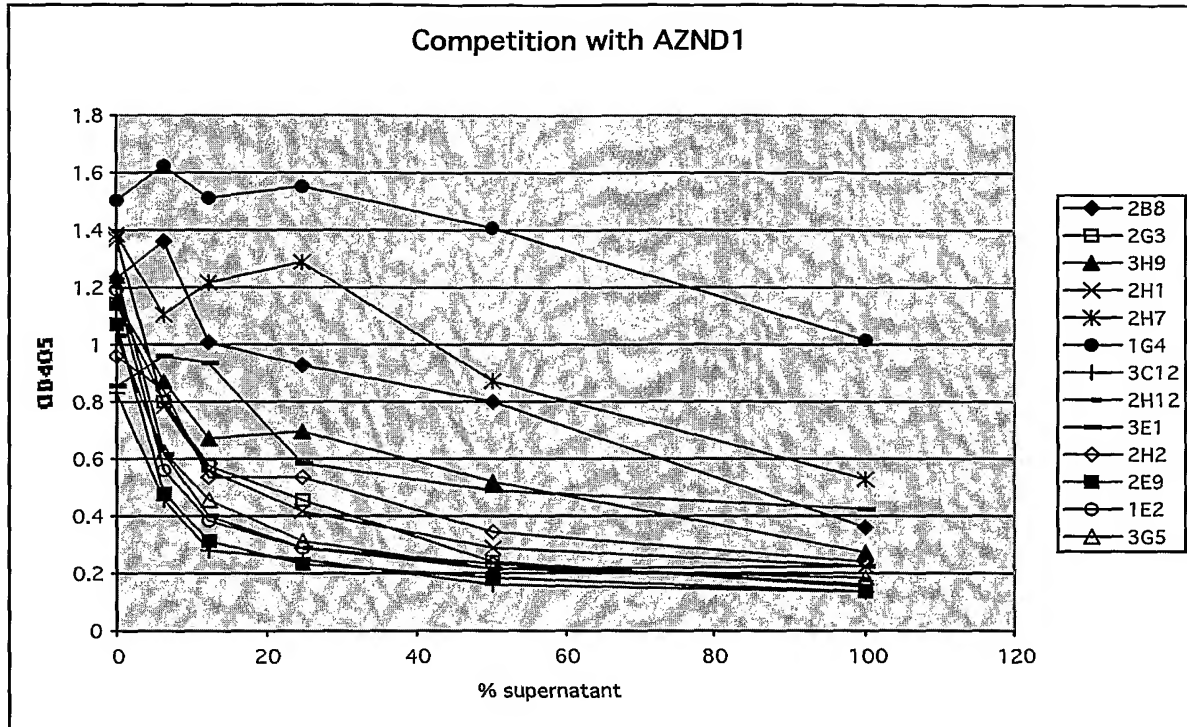


Figure 5B

IgG2a library

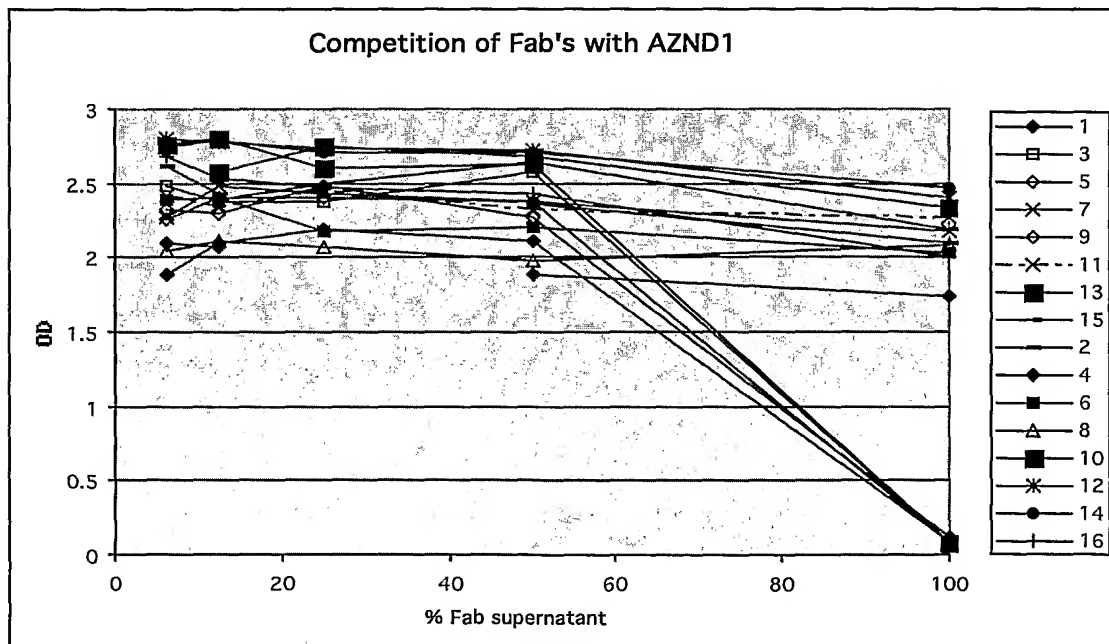


Figure 6

